بررسی ساختار ژنتیکی جمعیت‌های ماهی قباد *(Scomberomorus guttatus)* خلیج فارس با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره

احسان عابدی[۱*]، مهدی محمدی[۲]، سید احمد قاسمی[۳]

۱ـ کارشناس پژوهشی موسسه ملی اقیانوس‌شناسی، مرکز اقیانوس‌شناسی خلیج فارس، استان بوشهر، بوشهر، پست الکترونیکی: ehsan_abedi@inio.ac.ir

۲ـ استادیار دانشگاه خلیج فارس بوشهر، مرکز مطالعات و پژوهشهای خلیج فارس، استان بوشهر، بوشهر، پست الکترونیکی:mohammadim@pgu.ac.ir

۳ـ مربی پژوهشی دانشگاه خلیج فارس بوشهر، مرکز مطالعات و پژوهشهای خلیج فارس، استان بوشهر، بوشهر، پست الکترونیکی: aqasemi@gmail.com

تاریخ دریافت: آذر ۸۹ ** نویسنده مسوول* *تاریخ پذیرش: تیر ۹۰*

© نشریه علمی ـ پژوهشی اقیانوس‌شناسی ۱۳۹۰، تمامی حقوق این اثر متعلق به نشریه اقیانوس‌شناسی است.

چکیده

در این پژوهش ساختار ژنتیکی جمعیت‌های ماهی قباد با استفاده از پنج جفت نشانگر ریزماهواره بررسی گردید. ماهی قباد از چهار ایستگاه بندر لنگه، بندر دیر، بندر بوشهر و بندر آبادان در سواحل شمالی خلیج فارس جمع‌آوری شد. در این مطالعه از ۱۶۰ نمونه ماهی قباد جهت تعیین اختلاف ژنتیکی با استفاده از پنج جایگاه (J43Sc, L42Sc, D61sc, H96c, C83c) استفاده گردید. واکنش PCR با تمام آغازگرها انجام شد و همه پنج جایگاه در هر چهار جمعیت چند شکل بودند. تمامی جایگاه های ژنی مورد بررسی در هر چهار جمعیت در این مطالعه خارج از تعادل هاردی ـ واینبرگ بودند ($P < ۰/۰۰۱$). اختلاف ژنتیکی توسط شاخص Fst برای تخمین ساختار ذخایر اندازه‌گیری گردید. بر اساس آزمون AMOVA، اختلاف درون جمعیت‌ها ۹۷٪، اختلاف بین جمعیت‌ها ۲٪ و اختلاف بین مناطق ۱٪ محاسبه گردید که اختلاف کمی را میان جمعیت‌ها نشان داد. نتایج نشان می‌دهند که احتمالاً یک جمعیت از ماهی قباد در ایستگاه‌های نمونه‌برداری شده وجود دارد.

کلمات کلیدی: *خلیج فارس، ساختار ذخایر ژنتیکی، ماهی قباد، ریزماهواره، Scomberomorus guttatus*

۱. مقدمه

شرایط زیست محیطی مناسب در خلیج فارس باعث گردیده که این منطقه محل زیست گونه‌های متعددی از آبزیان مناطق گرمسیری و نیمه‌گرمسیری باشد. گونه‌های مختلفی از آبزیان کفزی، نزدیک به کف، صخره‌ای و جزایر مرجانی و همچنین سطح زیان مهاجر در خلیج فارس دیده می‌شوند (Siddeek et al., 1999). در میان ماهیان سطح‌زی مهاجر، تون‌ماهیان دارای اهمیت بسیار بالایی در زمینه‌های غذایی، صنعتی، تجاری و ارزآوری هستند. ماهی قباد علاوه بر اهمیت بوم‌شناختی در بین تون‌ماهیان و ماهیان استخوانی یکی از با ارزش‌ترین ماهیان تجاری محسوب می‌شود.

ماهی قباد *Scomberomorus guttatus* نوعی گونه مهاجر پلاژیک ـ نرتیک است و در آب‌های ساحلی در اعماق بین ۱۵ تا ۲۰۰ متر زندگی می‌کند. این گونه دارای مهاجرت‌های بین اقیانوسی است و برخی مواقع وارد آب‌های گل‌آلود خورها نیز

می‌شود. این ماهی در دسته‌های کوچک یافت می‌شود و در طول سواحل اقیانوس هند ـ غرب اقیانوس آرام در خلیج فارس، هند و سریلانکا تا جنوب شرق آسیا، شمال تا هنگ‌کنگ و همچنین خلیج واکاسا و دریای ژاپن پراکنده است. بیشترین میزان صید ماهی قباد در سواحل ایرانی خلیج فارس طی ماههای نوامبر و ژانویه صورت می‌گیرد (Collette, 2001).

درک ساختار ذخایر ماهیان یکی از مولفه‌های بسیار مهم و اساسی در موفقیت و دستیابی به مدیریت پایدار زیست‌شناختی، شیلاتی و ژنتیکی است (Shaklee and Currens, 2003). ساختار ذخایر در گذشته به‌وسیله‌ی پارامترهای فنوتیپی ماهیان نمونه‌برداری شده از مناطق مختلف مانند میزان رشد، اندازه، سن بلوغ و سن مرگ و میر تعیین می‌شد. بنابراین با اینکه اختلاف ژنتیکی در نشانگرهای غیر عملکردی مانند ریزماهواره‌ها وجود داشت، اما مورد توجه و بررسی قرار نمی‌گرفت (Hartl, 2000).

ژنتیک مولکولی به‌عنوان ابزاری مدرن، توانایی شناسایی و تعیین ساختار ذخایر ماهیان را دارد (Magoulas, 2005). در میان نشانگرهای رایج DNA که می‌توان از آنها برای بررسی تنوع ژنتیکی در سطح مولکولی استفاده کرد، نشانگر ریزماهواره یا میکروستلایت حاوی اطلاعات مفیدتر و چند شکلی بیشتری را نشان می‌دهد که از ۶-۲ جفت باز تکراری پشت سر هم تشکیل شده است. ریزماهواره‌ها به‌علت سطح بالای چند شکلی، میزان بالای جهش، هم‌بارزی، تعداد زیاد و پراکنش بالای ژنومی، امکان استفاده از آغازگرهای میکروستلایتی یک گونه در گونه‌های بسیار نزدیک و آنالیز ساده محصول PCR نشانگرهای مناسبی جهت مطالعات ژنتیک جمعیت، اکولوژیک و تکاملی هستند (Li et al., 2009).

نشانگرهای ریزماهواره جهت بررسی ساختار ژنتیکی جمعیت‌های ماهیان طی سال‌های اخیر در ایران مورد استفاده قرار گرفته است. برای مثال، کیوان شکوه و همکاران در سال ۲۰۰۷ به‌منظور بررسی دقیق‌تر تمایز ژنتیکی جمعیت‌های ماهی کلمه در ایران از ۶ لکوس ریزماهواره‌ای استفاده نمودند. قاسمی و همکاران در سال ۲۰۰۷ با استفاده از ریزماهواره‌ها تنوع ژنتیکی ماهی سیم دریای خزر را مورد بررسی قرار دادند و ساختار ژنتیکی جمعیت‌های این گونه‌ی در معرض خطر انقراض را در آب‌های ایران و جمهوری آذربایجان مطالعه کردند. صفری در سال ۲۰۰۷ با استفاده از همین روش جمعیت‌های ماهی شیپ را مورد بررسی قرار داد. سالاری علی آبادی در سال ۲۰۰۹ ساختار ژنتیکی ماهی سوکلا در خلیج فارس و دریایی عمان را مورد بررسی قرار داد. همچنین عابدی و همکاران در سال ۲۰۱۰ با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره، تنوع ژنتیکی جمعیت‌های شیرماهی یکی از پرارزش‌ترین تون ماهیان خلیج فارس در این منطقه را مورد بررسی قرار دادند. با توجه به اینکه ماهی قباد نیز یکی از پرارزش‌ترین تون‌ماهیان خلیج فارس محسوب می‌شود و مطالعه‌ای بر روی ساختار ذخایر ژنتیکی این گونه در آب‌های خلیج فارس با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره صورت نگرفته، لذا مطالعه‌ی حاضر با هدف شناسایی ساختار ژنتیکی ماهی قباد در خلیج فارس صورت گرفت تا در صورت امکان جمعیت‌های احتمالی و میزان تنوع ژنتیکی ماهی قباد را مورد بررسی قرار دهد.

۲. مواد و روش‌ها

نمونه‌ها به میزان سه تا پنج گرم از بافت نرم باله دمی ۱۶۰ عدد ماهی قباد صید شده طی عملیات صیادی کشتی های صیادی صیدگاه های بندر لنگه (طول جغرافیایی '۵۵ °۵۴ شرقی و عرض جغرافیایی '۳۲ °۲۶ شمالی) (۴۰ نمونه)، بندر دیر (طول جغرافیایی '۵۵ °۵۱ شرقی و عرض جغرافیایی '۴۵ °۲۷ شمالی) (۴۰ نمونه)، بندر بوشهر (طول جغرافیایی '۴۲ °۵۰ شرقی و عرض جغرافیایی '۵۴ °۲۸ شمالی) (۴۰ نمونه) و بندر آبادان (طول جغرافیایی '۴۶ °۴۸ شرقی و عرض جغرافیایی '۵۴ °۲۹ شمالی) (۴۰ نمونه) از اسفند۸۷ تا اردیبهشت ۸۸ جدا و برای انتقال به آزمایشگاه زیست‌فناوری (بیوتکنولوژی) در اتانول ۹۶ درصد فیکس گردید (شکل ۱).

شکل ۱ـ موقعیت مناطق نمونه‌برداری شده در آب‌های ایرانی خلیج فارس

استخراج DNA از نمونه‌های جمع آوری شده طبق روش Perbal در سال ۱۹۹۸ انجام گرفت. به این منظور ۱۰ تا ۲۰ میلی

گرم بافت باله در بافر STE به‌همراه SDS ۱۰ درصد و ۳ میکرولیتر پروتئیناز K به مدت ۲۴ ساعت هضم گردید. کمیت و کیفیت DNA نمونه‌ها با استفاده از روش الکتروفورز ۵ میکرولیتر از DNA استخراج شده در ژل آگارز ۰/۷ درصد در بافر TAE تعیین گردید. برای استفاده در واکنش زنجیره‌ای پلی مراز، نمونه‌های DNA توسط روش اسپکتروفتومتری در طول موج‌های ۲۶۰ و ۲۸۰ نانومتر سنجیده و سپس تا حد ۱۰۰ نانوگرم رقیق گردیدند.

تعداد ۵ جفت آغازگر غیر اختصاصی *Scomberomorus commerson* بر اساس مطالعه Herwerden و همکاران در سال ۲۰۰۶ انتخاب شدند و پس از سنتز توسط شرکت Metabion آلمان، طی این پژوهش استفاده گردیدند (جدول ۱). واکنش زنجیره‌ای پلی مراز برای نمونه‌ها در حجم ۲۰ میکرولیتر با شرایط ۲ میلی مولار کلرید منیزیم، ۲۰۰ میکرومولار dNTps، ۱ واحد Taq DNA Polymerase و ۱۰ پیکومول از هر جفت پرایمر (R و F) و ۱۰۰ نانوگرم DNA ژنومی انجام شد. برنامه PCR، در دستگاه ترموسایکلر، شامل یک چرخه‌ی واسرشت‌سازی اولیه در دمای ۹۴ درجه سانتیگراد به‌مدت ۳ دقیقه و سپس تعداد ۳۰ چرخه شامل واسرشت سازی ثانویه در دمای ۹۴ درجه سانتیگراد به‌مدت ۳۰ ثانیه، اتصال آغازگرها به رشته DNA، بسته به نوع آغازگر (جدول ۱) به‌مدت ۳۰ ثانیه، بسط در دمای ۷۲ درجه سانتیگراد به‌مدت ۳۰ ثانیه و در نهایت یک چرخه‌ی بسط نهایی در دمای ۷۲ درجه سانتیگراد به مدت ۳ دقیقه بود. قطعات تکثیر شده روی ژل پلی اکریل آمید ۸ درصد با شدت جریان ۱۸۰ میلی آمپر به‌مدت ۳ ساعت الکتروفورز شدند و جهت نمایان کردن قطعات DNA در ژل، از رنگ‌آمیزی به‌روش نیترات نقره استفاده شد.

جدول۱ـ خصوصیات آغازگرهای مورد استفاده در این پژوهش

جایگاه ژنی	واحد تکرار شونده	توالی پرایمر ۳´ > ۵´	دمای اتصال	اندازه (bp)
C83Sc	$(TG)_5TC(TG)_{11}$	F: ACGCAGCAATGCACCGTGG R: AAGAATCAACACAAACAGCACC	۵۷°C	۱۶۵
H96Sc	$(CA)_{13}GA(CA)_2GA(CA)_4$	F: AAAGAATGGAAATTCAGATCAC R: TAAAATGACATCATCCCATGG	۵۷°C	۱۸۵
J43Sc	$(TG)_5TT(TG)_7AG(TG)_4$	F: TGATCTAATCAATGGGAGAGG R: TGCTCACATGTGCAAGCAAT	۵۸°C	۱۶۰
L42Sc	$(TG)_4CC(TG)_{15}$	F: ATGGCAACGGCGAGATTAAGG R: TCCAGAACAGCAGCAGTTTCC	۵۸°C	۲۹۰
D61Sc	$(CA)_{11}AA(CA)_3$	F: CTATCAGCAATTAAGTGTACTAC R: TGTGAGAGGTTCAACAATG	۵۹°C	۳۰۰

الگوی نواری به‌دست آمده از واکنش PCR نمونه‌ها، در مقابل هر آغازگر بر حسب وزن مولکولی آلل‌ها به‌وسیله‌ی نرم‌افزار LabImage 1D 3.3.3 محاسبه و با عدد امتیاز دهی شدند. جهت ارزیابی خطاهای ژنوتیپی و تخمین فراوانی آلل‌های نول (Null alleles) برای تمامی جایگاه‌ها از نرم افزار MICROCHEKER 2.2.3 (Oosterhout et al., 2004) استفاده گردید. تمامی آنالیزهای مربوط به ساختار ذخایر ژنتیکی در جایگاه‌های ریزماهواره‌ای توسط نرم‌افزارهای Genepop 4.0.10 (Raymond and Rousset, 2008) و GenAlex 6.3 (Peakall and Smouse, 2006) محاسبه گردید.

۳. نتایج

نتایج حاصل از نرم افزار Genepop نشان داد که هیچ‌کدام از پنج لوکوس مورد مطالعه در این پژوهش عدم تعادل پیوستگی ندارند. تمامی لوکوس‌های مورد مطالعه در این پژوهش یک یا دو باند را نشان دادند و همه پنج جفت پرایمر مورد استفاده پلی مورف بودند. لوکوس‌های C83Sc و D61Sc با ۸ آلل، لوکوس L42Sc با ۷ آلل و لوکوس J43Sc و H96Sc با ۵ آلل، سطوح مختلفی از پلی مورفیسم را نشان دادند. در بررسی تعادل هاردی ـ واینبرگ در لوکوس‌های مختلف، تمامی لوکوس‌ها در هر چهار جمعیت مورد بررسی خارج از تعادل بودند ($P<۰/۰۰۱$). در این مطالعه دامنه‌ی هتروزیگوسیتی مشاهده شده بین ۰/۸۷۵ تا ۱ و دامنه هتروزیگوسیتی مورد انتظار بین ۰/۵۰۰ تا ۰/۹۷۵ محاسبه گردید. در تمامی لوکوس‌ها مقادیر هتروزیگوسیتی مورد انتظار کمتر از هتروزیگوسیتی مشاهده شده محاسبه گردید و این اختلاف معنی‌دار بود ($P<۰/۰۵$) (جدول ۲).

میزان F_{st} برای جمعیت‌های مختلف به‌صورت دو به دو و بر اساس آزمون AMOVA اندازه‌گیری شد و بر این اساس بیشترین میزان F_{st} میان جمعیت‌های لنگه و آبادان با ۰/۰۳۸ و کمترین میزان F_{st}

میان جمعیت‌های لنگه و دیر با ۰/۰۰۴ به‌دست آمد. همچنین با استفاده از نرم‌افزار GenAlex بیشترین جریان ژنی در بین جمعیت‌های لنگه و دیر (۵۶/۱۹۷) و کمترین جریان ژنی در بین جمعیت‌های لنگه و آبادان (۶/۳۱۵) اندازه گیری شد (جدول ۳).

جدول۲ـ پارامترهای ژنتیکی در جمعیت‌های ماهی قباد

جایگاه ژنی	ویژگی	لنگه	دیر	بوشهر	آبادان
C83Sc	تعداد نمونه	۴۰	۴۰	۴۰	۴۰
	تعدادآلل ها	۸	۸	۷	۶
	هتروزیگوسیتی مشاهده شده	۱	۰/۹۷۵	۰/۹۷۵	۱
	هتروزیگوسیتی مورد انتظار	۰/۷۰۲	۰/۷۳۲	۰/۶۵۳	۰/۶۹۰
	P	۰/۰۰۰ ***	۰/۰۰۰ ***	۰/۰۰۰ ***	۰/۰۰۰ ***
H96Sc	تعداد نمونه	۴۰	۴۰	۴۰	۴۰
	تعدادآلل ها	۵	۵	۵	۵
	هتروزیگوسیتی مشاهده شده	۱	۱	۰/۸۷۵	۱
	هتروزیگوسیتی مورد انتظار	۰/۷۱۰	۰/۶۸۹	۰/۷۲۲	۰/۵۶۸
	P	۰/۰۰۰ ***	۰/۰۰۰ ***	۰/۰۰۰ ***	۰/۰۰۰ ***
J43Sc	تعداد نمونه	۴۰	۴۰	۴۰	۴۰
	تعدادآلل ها	۵	۵	۴	۴
	هتروزیگوسیتی مشاهده شده	۱	۱	۱	۱
	هتروزیگوسیتی مورد انتظار	۰/۷۴۴	۰/۷۱۰	۰/۷۴۹	۰/۶۸۸
	P	۰/۰۰۰ ***	۰/۰۰۰ ***	۰/۰۰۰ ***	۰/۰۰۰ ***
L42Sc	تعداد نمونه	۴۰	۴۰	۴۰	۴۰
	تعدادآلل ها	۷	۷	۶	۷
	هتروزیگوسیتی مشاهده شده	۱	۱	۱	۱
	هتروزیگوسیتی مورد انتظار	۰/۷۳۹	۰/۷۴۸	۰/۷۲۸	۰/۵۰۰
	P	۰/۰۰۰ ***	۰/۰۰۰ ***	۰/۰۰۰ ***	۰/۰۰۰ ***
D61Sc	تعداد نمونه	۴۰	۴۰	۴۰	۴۰
	تعدادآلل ها	۸	۸	۷	۵
	هتروزیگوسیتی مشاهده شده	۱	۱	۱	۱
	هتروزیگوسیتی مورد انتظار	۰/۷۹۹	۰/۸۰۳	۰/۷۵۸	۰/۸۰۵
	P	۰/۰۰۰ ***	۰/۰۰۰ ***	۰/۰۰۰ ***	۰/۰۰۰ ***

P: مربع آزمون کای در تعادل هاردی ـ واینبرگ *** P < ۰/۰۰۱

جدول۳ـ مقایسه F_{st} (پایین) و Nm (بالا) در جمعیت‌های مختلف بر اساس آزمون AMOVA

	لنگه	دیر	بوشهر	آبادان
لنگه	–	۵۶/۱۹۷	۲۳/۴۱۸	۶/۳۱۵
دیر	۰/۰۰۴	–	۱۵/۲۸۷	۷/۳۸۷
بوشهر	۰/۰۱۱	۰/۰۱۶	–	۹/۸۳۱
آبادان	۰/۰۳۸	۰/۰۳۳	۰/۰۲۵	–

بر اساس Nei (1972) بیشترین فاصله ژنتیکی بین جمعیت‌های لنگه و آبادان و کمترین فاصله ژنتیکی بین جمعیت‌های لنگه و دیر به ترتیب با ۰/۱۸۴ و ۰/۰۲۵ محاسبه گردید. همچنین بیشترین شباهت ژنتیکی بین جمعیت‌های لنگه و دیر و کمترین شباهت ژنتیکی بین جمعیت‌های لنگه و آبادان به ترتیب با ۰/۹۷۵ و ۰/۸۳۲ محاسبه گردید (جدول ۴). تنوع ژنتیکی بر اساس سلسله مراتب جمعیتی ۴ جمعیت و ۳ منطقه بر اساس آزمون AMOVA در سطح احتمال ۰/۰۱ بر اساس F_{st} محاسبه گردید. بر این اساس اختلاف درون جمعیت‌ها ۹۷٪، اختلاف بین جمعیت ها ۲٪ و اختلاف بین مناطق ۱٪ محاسبه گردید.

جدول ۴ـ مقایسه فاصله ژنتیکی (پایین) و شباهت ژنتیکی (بالا) بین جمعیت‌های مختلف

جمعیت	لنگه	دیر	بوشهر	آبادان
لنگه	–	۰/۹۷۵	۰/۹۴۰	۰/۸۳۲
دیر	۰/۰۲۵	–	۰/۹۱۰	۰/۸۵۹
بوشهر	۰/۰۶۲	۰/۰۹۴	–	۰/۸۹۷
آبادان	۰/۱۸۴	۰/۱۵۲	۰/۱۰۹	–

۴. بحث و نتیجه‌گیری

مطالعه ژنتیک جمعیت ماهیان دریایی در سال‌های اخیر به‌طور فزاینده‌ای مشاهده شده است. به‌طور کلی سطوح پایینی از تفاوت‌های ژنتیکی در ماهیان دریایی به چند دلیل وجود دارد: (۱) عدم وجود یک مانع قابل توجه و سیالیت محیط‌های دریایی باعث کاهش هتروژنیتی در بین جمعیت‌ها می‌شود، (۲) مهاجرت‌های بسیار کم در هر نسل باعث از بین رفتن تفاوت ژنتیکی میان جمعیت‌ها می‌شود، و (۳) گونه‌های دریایی دارای زادآوری و پراکنش بالایی هستند (waples, 1998). این موضوع به‌خصوص در گونه‌های پرتحرک با لاروهای پلاژیک مانند ماهی قباد که از اعضای جنس *Scomberomorus* محسوب می‌شود، صادق است (Gold et al., 1997; Buonaccorsi et al., 1999; Broughton et al., 2002).

فراوانی آلل‌ها ساده‌ترین ابزار برای بررسی تنوع ژنتیکی در یک جایگاه است (Kalinowski, 2005). در بررسی حاضر میانگین ۶ آلل مشاهده شده از متوسط تعداد آلل در هر لوکوس در ماهیان آب شور (۲۰/۶) کمتر است (Dewoody and Avise, 2000). احتمالاً دلیل آن میزان بالای مهاجرت در قباد ماهیان بالغ خلیج فارس، میزان بالای جریان ژنی در خلیج فارس و ارتباط ژنتیکی لاروهای پلاژیک مناطق نمونه‌برداری شده با همدیگر است. علاوه بر این، خصوصیات بوم‌شناختی خلیج فارس و همچنین خصوصیات فیزیکی آن باعث همگن شدن آب و جابجایی لاروهای پلاژیک از یک منطقه به دیگر نقاط می‌شود.

در این پژوهش تمامی جمعیت‌ها در تمامی لوکوس‌های مورد بررسی، انحراف معناداری از تعادل هاردی ـ واینبرگ در سطح P<۰/۰۰۱ نشان دادند. ماهی قباد نوعی گونه مهاجر پلاژیک ـ نرتیک است و در آب‌های ساحلی در اعماق بین ۱۵ تا ۲۰۰ متر زیست می‌کند و مولدین این گونه، مهاجرت‌های فصلی طولانی انجام می‌دهند. با توجه به سیکل زندگی بالغ و لارو ماهی قباد، انحراف از تعادل هاردی ـ واینبرگ در این گونه دور از انتظار نیست (Herwerden et al., 2006).

نتایج هتروزیگوسیتی و هموزیگوسیتی این مطالعه و مطالعات گذشته نشان می‌دهند که اعضای جنس *Scomberomorus* دارای تحرک بالا و اختلاط جمعیتی در مناطق‌شان هستند. به‌عنوان مثال عابدی و همکاران در سال ۲۰۱۰ با مقایسه ۵ لوکوس ریزماهواره‌ای *S.commerson* در خلیج فارس، جمعیت مشابهی را در مناطق نمونه‌برداری نشان دادند. همچنین Broughton و همکاران در سال ۲۰۰۲ با مقایسه ۵ لوکوس ریزماهواره‌ای *S.cavalla* در غرب آتلانتیک و خلیج مکزیک به این نتیجه رسیدند که هتروژنیتی ضعیف بین مناطق به‌واسطه‌ی جریان ژنی همراه با هم‌آمیختگی ذخیره ژنی وجود دارد. Hoolihan و همکاران در سال ۲۰۰۶ به‌وسیله‌ی نشانگرهای mtDNA نشان دادند که واگرایی بسیار کمی در *S.commerson* منطقه‌ی راپمی وجود دارد و پیشنهاد کردند که اختلاط در بین جمعیت‌های منطقه ROPME وجود دارد. نتایج به‌دست آمده در این پژوهش ضمن بیان اختلاف معنی‌دار ($P<0/05$) بین مقادیر He و Ho، نشان داد که ماهی قباد خلیج فارس دارای تحرک بالا و اختلاط جمعیتی در این منطقه است. از مقادیر He و Ho در محاسبه تعادل هاردی ـ واینبرگ ($\chi^2 = \sum(O-E)^2 / E$) استفاده می‌گردد و دلایل ذکر شده در توجیه خارج بودن از تعادل هاردی ـ واینبرگ در اینجا نیز صادق است (Peakall and Smouse, 2006).

میانگین F_{st} برای ماهیان دریایی برابر با ۰/۰۲۰ گزارش شده است (Waples, 1998). همچنین $F_{st}<0/05$ بیانگر آن است که جریان ژنی در میان جمعیت‌ها مقداری محدود شده و اجازه می‌دهد تا بعضی از جمعیت‌ها به زیر جمعیت‌هایی تقسیم شود (Hoolihan et al., 2006). در این مطالعه بیشترین مقدار F_{st} بین جمعیت لنگه و آبادان ۰/۰۳۸ محاسبه شد که نشان‌دهنده‌ی تمایز ژنتیکی پائینی بین جمعیت لنگه در شرق خلیج فارس و جمعیت آبادان در غرب خلیج فارس است. همچنین با مقایسه مقادیر F_{st} محاسبه شده بین دیگر جمعیت‌ها نیز اختلاط بین مناطق نمونه‌برداری شده را خواهیم دید. جریان ژنی محاسبه شده با استفاده از F_{st} در حدی بود که مهاجرت یا جریان ژنی دو جانبه در مناطق نمونه‌برداری شده را نشان می‌دهد.

بر اساس نتایج به‌دست آمده، کمترین شباهت و بیشترین فاصله ژنتیکی بین جمعیت‌های لنگه و آبادان و همچنین بیشترین شباهت و کمترین فاصله ژنتیکی بین جمعیت‌های لنگه و دیر محاسبه گردید که احتمالاً تابعی از فاصله جغرافیایی است.

با توجه به نتایج به‌دست آمده و تجزیه و تحلیل‌های انجام شده در این تحقیق، اگر چه تنوع ژنتیکی مناسبی در درون هر یک از جمعیت‌ها مشاهده می‌شود، اما تنوع ژنتیکی چندانی بین جمعیت‌های موجود در مناطق نمونه‌برداری شده وجود ندارد. نتایج به‌دست آمده از این مطالعه ممکن است به‌سبب تعداد پرایمرها و تعداد نمونه‌های مورد بررسی محدود باشد. بنابراین، داده‌های ژنتیکی و آنالیزهای بیشتری برای تائید وجود یا عدم وجود تفاوت‌های ژنتیکی بیشتر بین ذخایری که تفاوتی را نشان نداده‌اند، نیاز است. با توجه به ارزیابی مقادیر به‌دست آمده می‌توان جمع‌بندی کرد که احتمالاً یک جمعیت ماهی قباد در خلیج‌فارس وجود دارد و یک مدیریت یکپارچه ژنتیکی و منطقه‌ای برای استفاده‌ی پایدار از این منبع با ارزش لازم و ضروری است.

قدردانی

از ریاست و کارکنان محترم پارک علم و فناوری خلیج فارس بوشهر به‌عنوان حمایت‌کننده و همچنین از ریاست و کارکنان مرکز مطالعات و پژوهش‌های خلیج فارس تشکر و قدردانی می‌کنم.

منابع

سالاری علی آبادی، م. ع. ۱۳۸۷. بررسی ساختار ژنتیکی جمعیت های ماهی سوکلا (*Rachycentron canadun*) در خلیج فارس و دریای عمان با استفاده از روش مولکولی میکروستلایت، پایان نامه دکتری. دانشگاه علوم و فنون دریایی خرمشهر: ۱۹۱ ص.

صفری، م. ۱۳۸۵. بررسی ساختارجمعیت ماهی شیپ (*Acipenser nudiventris*) دریای خزر با استفاده از روش میکروستلایت. پایان نامه کارشناسی ارشد شیلات. دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان. ۱۰۸ ص.

عابدی، ا.؛ ذوالقرنین، ح.؛ سالاری علی آبادی، م.ع.؛ محمدی، م.؛ و قاسمی، ا. ۱۳۸۹. بررسی تنوع ژنتیکی جمعیت‌های شیر ماهی (*scomberomorus commerson*) در خلیج فارس با استفاده از نشانگرهای میکروستلایت. پایان نامه کارشناسی ارشد، دانشگاه علوم و فنون دریایی خرمشهر. ۱۰۹ص.

Broughton, R. E.; Stewart, L. B. and Gold, J. R. 2002. Microsatellite variation suggests substantial gene flow

single genetic stock in the ROPME sea area. ICES J. Mar. Sci. 63:1066-1074.

Kalinowski, S. T. 2005. Do polymorphic loci require large sample sizes to estimate genetic distances. J. Hered. 94: 33-36.

Keyvanshokooh, S.; Ghasemi, A.; Shahriari-Moghadam, M.; Nazari, R.M. and Rahimpour, M. 2007. Genetic analysis of Rutilus caspicus (Jakowlew 1870) populations in Iran by microsatellite markers. Aquac. Res. 38: 953-956.

Li, J., Wang, G. and Bai, Z. 2009. Genetic variability in four wild and two farmed stocks of the Chinese freshwater pearl mussel (*Hyriopsis cuminggii*) estimated by microsatellite DNA. Aquaculture. 287: 286-291.

Magoulas, A. 2005. Mitochondrial DNA. In stock identification methods applications in fishery science. 311-330.

Nei, M. 1972. Genetic distance between populations. Am. Nat. 106: 283-292.

Oosterhout, C.V.; Hutchinson, M.F., Wills, D.P.M. and Shipley, P. 2004. MICROCHEKER version 2.2.3. software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. Mol. Ecol. Notes. 4: 535-538.

Oosterhout, C.V.; Hutchinson, M.F., Wills, D.P.M. and Shipley, P. 2004. MICROCHEKER version 2.2.3. software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. Mol. Ecol. Notes. 4: 535-538.

Peakall, R. and Smouse, P.E. 2006. GENALEX version 6. Genetic analysis in Exel, population genetic software for teaching and research. Mol. Ecol. Notes. 6: 288-295.

Peakall, R. and Smouse, P.E. 2006. GENALEX version 6. Genetic analysis in Exel, population genetic software for teaching and research. Mol. Ecol. Notes. 6: 288-95.

Raymond, M. and Rousset, F. 2008. Genepop version 4.0. Institut Laboratiore de Genetique et Environment, Montpellier. France.

between king mackerel (*Scomberomorus cavalla*) in the western Atlantic ocean and Gulf of Mexico. Fish. Res. 54: 305-316.

Buonaccorsi, V.P.; Reece, K.S.; Morgan, L.W. and Graves, J.E. 1999. Geographic distribution of molecular variance within the blue marlin (*Makaira nigricans*): a hierarchical analysis of allozyme, single-copy nuclear DNA, and mitochondrial DNA markers. Evolution. 53: 568–579.

Collette, B. B.; Carpenter, K. E. and Niem, V. 2001. The Living Marine Resources of the Western Central Pacific, Scombridae, Tunas (also, albacore, bonitos, mackerels, seerfishes and Wahoo). FAO Species Identification Field Guide for Fishery Purposes. FAO Publication, Rome. 3721-3756.

Dewoody, J. A. and Avise, J. C. 2000. Microsatellite variation in marine, freshwater and anadramous fishes compared with other animals. J. Fish. Biol. 56: 461-473.

Ghasemi, A.; Keyvanshokooh, S.; Shahriari-Moghadam, M., Khara, H. and Sourinejad, I. 2007. Genetic comparison of Iranian and Azeri populations of the oriental bream Abramis brama orientalis (Berg) using microsatllites. Aquac. Res. 38: 1742-1746.

Gold, J.R.; Kristmunsdo´ttir, A.Y. and Richardson, L.R. 1997. Mitochondrial DNA variation in king mackerel (*Scomberomorus cavalla*) from the western Atlantic ocean and Gulf of Mexico. Mar. Biol. 129: 221–232.

Hartl, D. L. 2000. A Primer of population genetics. Sinauer Associates Inc, Sunderland, MA, USA. 68-72.

Herwerden, L. V.; Mcllwain, J.; Al-Ouf, H.; Al-Amry, W. and Reyes, A. 2006. Development and application of microsatellite markers for *Scomberomorus commerson* (Perciformes; Teleostei) to a population genetic study of Arabian peninsula stocks. Fish. Res. 79: 258-266.

Hoolihan, J. P.; Anandh, P. J. and Herwerden, L. V. 2006. Mitochondrial analyses of narrow - barred Spanish mackerel (*Scomberomorus commerson*) suggests a

Siddeek, M. S. M.; Fouda, M. M. and Hermosa Jr., G. V. 1999. Demersal fisheries of the Arabian Sea, the Gulf of Oman and the Persian Gulf. Estuar. Coast. Shelf Sci. 49: 87-97.

Waples, R. S. 1998. Separating the wheat from the chaff: patterns of genetic differentiation in high gene flow species. J. Hered. 98: 438-450.

Raymond, M. and Rousset, F. 2008. Genepop version 4.0. Institut Laboratiore de Genetique et Environment, Montpellier. France.

Shaklee, J. B. and Currens, K. P. 2003. Genetic stock identification and risk assessment. In population genetics principles and applications for fisheries scientists. 291-328.